

**USO DE MÉTODOS MULTIVARIADOS PARA CARACTERIZAÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS DE TRIGO NO IDR PARANÁ**

Luiz Gustavo Batista Ferreira<sup>1</sup>, Carlos Tadeu dos Santos Dias<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Universidade Estadual de Ponta Grossa – UEPG, Doutorado em Agronomia. Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Campus Uvaranas. Av. General Carlos Cavalcanti, 4748 - Uvaranas, Ponta Grossa, PR. CEP 84030-900. Email: [luiz.gustavo@agronomo.eng.br](mailto:luiz.gustavo@agronomo.eng.br)

<sup>2</sup> Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Departamento de ciências Exatas, Professor. Avenida Pádua Dias, 11, 13418900-Piracicaba, SP – Brasil. Email: [ctsdias@usp.br](mailto:ctsdias@usp.br)

**RESUMO:** O objetivo do presente trabalho foi avaliar, caracterizar e conservar acessos do Banco Ativo de Germoplasma de Trigo (BAGT) e promover o pré-melhoramento. Foi semeada em Londrina 209 acessos do BAGT e 16 cultivares testemunhas em delineamento látice simples (15x15), e avaliados 16 características morfológicas e agrônômicas. Os dados foram submetidos a análises de variância, agrupamento de médias, correlação linear e análise de diversidade genética com posterior agrupamento pelos métodos UPGMA e Tocher. A média de eficiência do látice foi 1,21% com IC<sub>5%</sub>: [99,31 ~ 103,11%], representando pouca eficiência em relação ao delineamento de blocos ao acaso. Quatorze variáveis apresentaram significância pelo teste F, indicando que pelo menos um genótipo diferenciou-se dos demais para cada variável. Na análise de diversidade genética os genótipos T092125 e IA 072118 com T062113 ficaram em dois grupos isolados e o terceiro grupo reunindo os demais 223 genótipos. Este fato não representa diretamente uma base genética estreita, uma vez que mais de 99% da variação está contida nas variáveis dias para maturação e espigamento, altura de plantas e tamanho de espigas. Pode-se inferir que o conjunto de acessos avaliados apresenta ampla base genética para as variáveis agrônômicas.

**PALAVRAS-CHAVE:** *Triticum aestivum*, técnicas estatísticas multivariadas, conservação *ex-situ*, variabilidade genética.

**USE OF MULTIVARIATE METHODS TO CHARACTERIZE WHEAT GENETIC RESOURCES IN IDR PARANÁ**

**ABSTRACT:** The objective of this work was to evaluate, characterize and conserve accessions of the Active Wheat Germplasm Bank and promote pre-breeding. 16 control cultivars were sown in Londrina in a simple lattice design (15x15), and 16 morphological and agronomic characteristics were evaluated. Data were subjected to analysis of variance, grouping of means, linear correlation and analysis of genetic diversity with subsequent grouping by UPGMA and Tocher methods. The average efficiency of the lattice was 1.21% with IC<sub>5%</sub>: [99.31 ~ 103.11%], representing little efficiency compared to the randomized block design. Fourteen variables showed significance by the F test, indicating that at least one genotype differed from the others for each variable. In the analysis of genetic diversity, genotypes T092125 and IA 072118 with T062113 were in two isolated groups and the third group gathered the other 223 genotypes. This fact does not directly represent a narrow genetic basis, since more than 99% of the variation is contained in the variables days for maturation and ear, plant height and ear size. It can be inferred that the set of evaluated accessions has a broad genetic base for agronomic variables.

**KEY WORDS:** *Triticum aestivum*, multivariate statistics, conservation *ex-situ*, genetic variability.

## INTRODUÇÃO

O trigo é um dos principais alimentos da dieta humana. Ele é usado por 35% da população mundial, (KRONSTAD, 1986), além de ser um dos cereais mais plantados no mundo (FAO, 2011), e representar cerca de 20% do total de calorias consumidas atualmente pela humanidade.

A eficiência de um banco de germoplasma é diretamente proporcional ao domínio das informações sobre os acessos conservados, sendo que um dos maiores problemas encontrados é o custo de manutenção e a dificuldade de disponibilização de material para a pesquisa por falta de conhecimento. Para minimizar essas limitações, a caracterização e avaliação dos acessos permitem a compreensão da variabilidade existente na coleção constituindo em atividades prioritárias, pois auxiliam na: a) documentação e catalogação dos acessos (ou dados de passaporte); b) identificação de duplicatas; c) conservação e armazenamento em ambiente controlado (câmara fria); d) multiplicação para atender à coleção base e à demanda de usuários; e) regeneração dos acessos para manutenção da integridade genética dos mesmos e f) formação de coleção nuclear, entre outros aspectos (VALOIS et al., 1996).

Entre os melhoristas de plantas, há um receio quanto à diminuição da variabilidade genética, conceituada de erosão genética, que pode ser contornada através da instituição de bancos de germoplasma.

Outro ponto diz respeito ao estreitamento da base genética das cultivares modernas de diferentes espécies, entre elas o trigo, uma vez que os pesquisadores têm preferido utilizar linhagens elites como genitores nos programas de melhoramento genético (Goodman, 1990; Reif et al., 2005).

Esta estratégia abre uma lacuna entre as atividades de recursos genéticos e de melhoramento. Enquanto os pesquisadores envolvidos com recursos genéticos coletam e conservam a variabilidade, os melhoristas não têm explorado a diversidade disponível. Segundo dados da FAO (1996), a enorme variabilidade genética de trigo armazenada em bancos de germoplasma *ex situ* não tem sido utilizada no desenvolvimento de novas cultivares.

Uma maneira clássica dos pesquisadores encontrarem novos genes de interesse é identificar características potencialmente úteis em um banco de germoplasma ou utilizar os recursos de pré-melhoramento vegetal, uma vez que os genes com potencial de uso, após identificados, podem ser incorporados nos genótipos elites.

Nesse contexto, a FAO (*Food and Agriculture Organization of the United Nations*) vem sugerindo a expansão das atividades de caracterização e avaliação, bem como o aumento do

número de coleções nucleares e de programas de pré-melhoramento genético, com o intuito de favorecer a base genética de espécies cultivadas, ampliando o ganho genético (SINGH, 2001).

A partir da década de 1990, a dinâmica de intercâmbio de recursos genéticos em âmbito mundial foi marcada por mudanças (LOPES, 2006). No Brasil, após a criação da Lei de Proteção de Cultivares (BRASIL, 1997), constatou-se uma maior restrição no intercâmbio entre os diversos programas de melhoramento genético do país, o que reforça a importância da caracterização e conservação dos acessos em bancos de germoplasma regionais.

A caracterização dos recursos genéticos é ressaltada como um dos principais aspectos que permitem a exploração dos mesmos pelos pesquisadores (Ferreira, 2006). A caracterização e conservação envolvem avaliações com repetições locais e temporais, mão-de-obra especializada, sendo recomendada a participação de profissionais com diferentes especializações, tais como fitopatologistas e melhoristas os quais, com amplo conhecimento acadêmico e científico, poderão verificar e estudar o potencial genotípico dos acessos (BONOW, 2007). Assim, o objetivo do presente trabalho foi regenerar, caracterizar, conservar e promover o pré-melhoramento dos recursos genéticos do Banco Ativo de Germoplasma de Trigo (BAGT) do Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná – IAPAR - EMATER (IDR – Paraná).

## MATERIAL E MÉTODOS

Para a caracterização e avaliação dos acessos foi semeada uma amostra de 209 acessos do BAGT e 16 cultivares testemunhas (BRS 229, BRS 249, BRS Guamirim, BRS Pardela, BRS Tangará, Fundacep 51, Fundacep Horizonte, IPR 129, IPR 130, IPR 136, Quartzo, Valente, BRS 264, Raízes, BRS 208, Embrapa 42), utilizando o delineamento em látice simples (15 x 15), com duas repetições. As parcelas foram constituídas de três linhas de dois metros de comprimento no espaçamento de 0,17 m entre fileiras, instalado na estação experimental do IDR-Paraná em Londrina.

Os tratos culturais foram os recomendados para a cultura e as cultivares utilizadas como testemunhas foram escolhidas por apresentarem características que auxiliem na caracterização dos referidos acessos.

Os dados para a caracterização dos acessos foram obtidos apenas da linha central de cada parcela, avaliando todas as plantas para as características quantitativas e uma amostra de 10 plantas para as qualitativas. As avaliações foram realizadas baseando-se nos critérios mínimos exigidos pela legislação brasileira (BRASIL, 1997) e também segundo os descritores de trigo sugeridos pelo *International Board for Plant Genetic Resources* (IBPGR, 1985).

As dezesseis características mensuradas no presente trabalho foram: hábito vegetativo da planta (HV); altura da planta (AP); número de dias da emergência ao espigamento e a maturação de plantas (ESP e MAT, respectivamente); posição da folha bandeira (FB); coloração das aurículas (AUR); diâmetro do colmo utilizando valores de 3 colmos por linhagem (DC); a forma de espiga (FE); comprimento da espiga (CE); presença de arista (ARI); cor da espiga (CES); a coloração, textura e cerosidade do grão (CRG, TGR e CERG, respectivamente), peso de grãos por espiga (PGEsp) e peso de 100 grãos (P100G) expresso em gramas.

Para avaliar essas diversas variáveis do Banco de Germoplasma do IDR Paraná, é recomendado o uso de técnicas estatísticas multivariadas. Para todas as características avaliadas foram realizadas análises de variância, agrupamento de médias, análise de correlação linear simples e análise de diversidade genética com posterior agrupamento pelos métodos de estatística multivariada, UPGMA e Tocher, conforme descritas por Cruz et al. (2004). Para as variáveis qualitativas HV, FB, AUR, FE, ARI, CES, CRG, TGR e CERG, os dados foram transformados para  $\sqrt{x+0,5}$ , de modo a manter as pressuposições da análise de variância como normalidade dos erros, homogeneidade das variâncias dos erros associados aos níveis de cada determinado fator e aditividade dos efeitos do modelo (RAMALHO et al., 2005).

O método de agrupamento por otimização ou método de Tocher constitui um método de agrupamento simultâneo, o qual realiza a separação dos genótipos em grupos de uma só vez. Esse método utiliza um único critério de agrupamento e possui a particularidade de apresentar a distância média dentro dos grupos sempre menor que a distância média entre os grupos.

Para os dados qualitativos, a diversidade genética foi avaliada pelo método multivariado de agrupamento de Tocher, tendo por base a matriz de dissimilaridade obtida pelo complemento aritmético (1-d) do índice de coincidência simples (d), conforme descritos por Cruz e Carneiro (2003). A contribuição das características para a divergência genética foi também mensurada por meio da metodologia proposta por Singh (1981).

Um modelo de equação estrutural foi utilizado para investigar relações entre as características morfológicas e morfométricas das plantas de trigo. Tais modelos permitem considerar a complexidade teórica das variáveis sob estudo por meio da definição de um sistema de equações lineares que represente efeitos hipotéticos, estabelecidos pelo pesquisador, das variáveis independentes ao longo da cadeia causal do desfecho de interesse. Duas equações são utilizadas: a de mensuração, referente à definição de variáveis latentes; e a estrutural, usada para identificar o efeito de variáveis latentes e/ou observadas sobre o desfecho de interesse

(Bollen, 1989). Assim, um diagrama de caminhos foi elaborado tendo como base nos dados coletados durante o estudo.

A variável latente característica da espiga (C\_E) foi construída com base em três variáveis observadas: presença de aristas (ARI), cor da espiga (CE) e forma da espiga (FE). Características da planta (C\_P) resultaram de duas variáveis observadas: hábito vegetativo (HV) e altura média de plantas (AP). As variáveis observadas espigamento em dias (ESP) e dias para maturação (MAT) compuseram a variável latente características de crescimento (C\_C). Características da folha (C\_F) contém as variáveis: posição da folha bandeira (FB) e coloração das aurículas (AUR). Por fim, características dos grãos (C\_G) está embasado em duas variáveis observadas: coloração e textura do grão (CGR e TGR). No modelo estrutural, consideraram-se as relações entre as variáveis latentes endógenas C\_E, C\_P, C\_C, C\_F e C\_G.

Para o ajuste do modelo utilizou-se o pacote estatístico “Lavaan”. A qualidade do ajuste do modelo foi verificada por meio do índice de Tucker-Lewis (TLI) (referência de bom ajuste  $TLI > 0,90$ ), do índice de ajustamento comparativo (comparative fit index - CFI) (referência de bom ajuste  $> 0,90$ ), da raiz do erro quadrático médio de aproximação (root mean square error of approximation - RMSEA) (referência de bom ajuste  $< 0,05$ ) e da raiz padronizada do erro quadrático médio (standardized root mean square residual - SRMR) (referência de bom ajuste  $< 0,08$ ).

Para realização das análises estatísticas multivariadas foram utilizados os softwares GENES (CRUZ, 2001), SISVAR (FERREIRA, 2008), R (2005; 2021), STATISTICA 6 (Statsoft, 2001).

As atividades de pré-melhoramento foram realizadas em todas as etapas do projeto a partir de avaliações visuais. Os genótipos que se destacaram para características específicas poderão ser direcionados para avaliações mais elaboradas procurando identificar genes (alelos) de interesse econômico imediato ou potencial.

Algumas linhagens componentes do bloco de cruzamentos do programa de melhoramento que apresentaram dificuldades de adaptação e, ou baixo potencial de utilização direta como fonte de alelos desejáveis poderão, futuramente, ser direcionadas para um programa específico de retrocruzamentos com cultivares agronomicamente superiores.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Pelas análises de variância segundo modelo látice 15 x 15, foi constatado que a média de eficiência do delineamento foi de 101,21% (Tabela 1), onde a média real ficou compreendida no intervalo de confiança de 99,31 a 103,11%. Isto representa uma baixa eficiência do látice e,

neste caso, é possível analisar os dados como se estivessem em delineamento de blocos casualizados.

**Tabela 1** - Médias de eficiência do delineamento látice para dezesseis variáveis em 225 genótipos do BAG-Trigo do IDR-Paraná.

<b>Características</b>	<b>Média de eficiência</b>
HV - Hábito Vegetativo	100,14
ARI - Presença de Aristas	102,57
AUR – Coloração das aurículas	100,02
FB - Posição Folha Bandeira	102,10
FE - Forma Espiga	99,71
CES - Cor das Espigas	100,00
CE - Comprimento da Espiga	98,66
CERG - Cerosidade de Grãos	103,84
TGR - Textura dos Grãos	102,79
CRG - Coloração dos grãos	103,16
ESP - N° de dias da emergência ao espigamento	96,73
MAT - N° de dias da emergência a maturação	100,20
AP - Altura de Plantas	<b>113,35</b>
DC - Diâmetro Médio de Colmos	<b>96,40</b>
PGEsp - Peso de Grãos por Espiga	98,97
P100G - Peso de 100 grãos	100,70
<hr/>	
Média da Eficiência do Látice	<b>101,21</b>
Desvio Padrão	3,88
Tamanho da amostra	16
Alfa	0,05
Margem de confiança	1,90
Limite máximo do IC	<b>103,11</b>
Limite mínimo do IC	<b>99,31</b>

Através das análises em blocos casualizados (Tabela 2) foi verificado que apenas para as variáveis ARI (presença de aristas) e CES (cor das espigas) não foi detectada diferença significativa pelo teste F ( $p > 0,05$ ), o que sugere uma baixa variabilidade destas duas características para o conjunto de genótipos avaliados. Para a variável FE (forma da espiga) foi constatada significância a 5% de probabilidade e para as demais variáveis, significância a 1% de probabilidade, indicando a presença de variabilidade genética entre os acessos de trigo avaliados, indicando que pelo menos no mínimo, um genótipo se diferencie significativamente dos demais dentro de cada característica. Os coeficientes de variação ambiental (CV) oscilaram

entre 4,82 a 18,78 % podendo ser classificados como baixos a médios, indicando boa precisão experimental.

**Tabela 2** - Quadrados médios obtidos por ANOVA em blocos casualizados, para dezesseis variáveis em 225 acessos do BAG-Trigo do IDR Paraná, em Londrina.

FV	GL	Quadrados Médios							
		HV <sup>(1)</sup>	ARI <sup>(1)</sup>	AUR <sup>(1)</sup>	FB <sup>(1)</sup>	FE <sup>(1)</sup>	CES <sup>(1)</sup>	TE	CERG <sup>(1)</sup>
Repetições	1	0,00	0,04	0,27	0,53	0,09	0,01	142,24	0,04
Genótipos	224	0,11**	0,02	0,11**	0,16**	0,13*	0,02	169,97**	0,10**
Erro	224	0,03	0,02	0,05	0,07	0,10	0,02	53,34	0,04
Médias		3	5	1	3	3	1	92	1
CV (%)		9,89	6,57	15,36	14,77	16,2	9,85	7,98	18,78

FV	GL	TGR <sup>(1)</sup>	CGR <sup>(1)</sup>	ESP	MAT	AP	DC	PG/ESP	P100G
Repetições	1	0,03	0,01	62,72	81,07	346,72	0,40	0,40	0,14
Genótipos	224	0,11**	0,04**	80,31**	48,51**	117,35**	0,46**	0,20**	0,64**
erro	224	0,04	0,01	9,41	27,35	37,01	0,30	0,06	0,27
Médias		4	3	64	108	90	3,94	1,45	3,41
CV%		8,78	6,34	4,83	4,82	6,76	13,83	17,57	15,18

\*,\*\* significativo a 5 e 1% pelo teste F.

Variáveis analisadas: habito vegetativo da planta (HV); presença de aristas (ARI); coloração das aurículas (AUR); posição da folha bandeira (FB); forma de espiga (FE); cor da espiga (CES); tamanho da espiga (TE) em cm; cerosidade dos grãos (CERG), textura e coloração do grão (TGR e CGR); espigamento com valor expresso em dias (ESP); dias para maturação (MAT); altura da planta (AP) em cm; diâmetro do colmo (DC) em cm; peso de grãos por espiga (PG/ESP) em gramas e peso de 100 grãos (P100G) em gramas.

<sup>(1)</sup>: Médias originais apresentadas, e análises realizadas com médias transformadas para  $\sqrt{x+0,5}$

Pelas análises de diversidade genética, os dados médios das 16 variáveis foram padronizados e utilizados em esquema multivariado para os cálculos de distância genética e agrupamento de genótipos. Pôde ser constatado que o agrupamento pelo método de Tocher (Tabela 3) alocou o genótipo T092125 (acesso 128) em um grupo isolado, os genótipos IA 072118 (acesso 121) e T062113 (acesso 127) em um segundo grupo e os demais 222 genótipos, incluindo as testemunhas, foram alocados em um terceiro grupo. Pelo dendrograma (Figura 1) é possível confirmar que T092150 novamente pertence a um grupo isolado, no entanto os genótipos IA 072118 e T062113 ficaram alocados próximos de IA 9718 (acesso 122) e IA082115 (acesso 32) o que permite que seja considerado um segundo grupo. Os demais genótipos foram alocados em um terceiro grupo isolado como no método de Tocher.

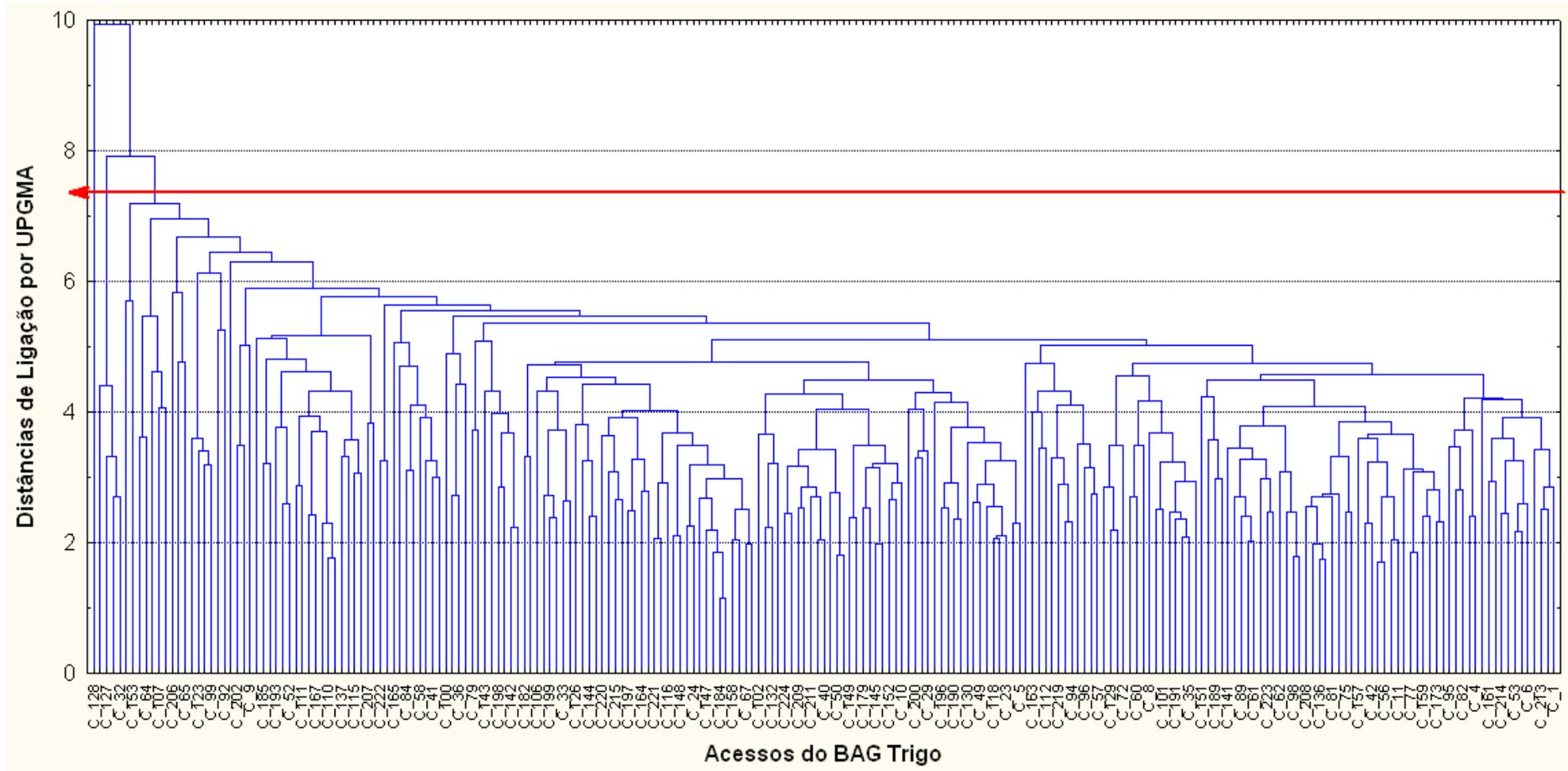
**Tabela 3** - Agrupamento dos 225 genótipos do BAG-Trigo do IDR Paraná pelo método de otimização de Tocher.

<b>Tocher</b>	
Grupo A	Demais 222 genótipos, incluindo as testemunhas
Grupo B	IA 072118 e T062113
Grupo C	T 092125
<b>UPGMA</b>	
Grupo A	Demais 222 genótipos, incluindo as testemunhas
Grupo B	IA 072118, T062113, IA 9718 e IA 082115
Grupo C	T 092125

Considerando que a eficiência de um dado método de agrupamento, ou seja, a capacidade de apresentar os contrastes entre genótipos que possam diferenciá-los, depende do tipo de dados analisados (qualitativos ou quantitativos e da distribuição) e da variabilidade genética entre os genótipos testados, pode-se inferir que as técnicas de Tocher e UPGMA foram eficientes. Resultados, estes, também encontrados por Bertan et al. (2006), avaliando 19 genótipos de trigo para dezessete caracteres quantitativos.

Os resultados no presente estudo não representam diretamente uma base genética estreita no conjunto de genótipos avaliados do BAG-Trigo do IDR Paraná, uma vez que mais de 99 % da contribuição para a divergência genética foi devida às variáveis quantitativas MAT, ESP, AP, TE, além de 0,31 % para DC, PG/ESP e P100G.

**Figura 1.** Dendrograma obtido a partir das distâncias Euclidianas médias com dados padronizados entre 225 genótipos e agrupados pelo método multivariado de UPGMA



Pelo método de Singh (1981) pode ser considerado que a importância relativa dos caracteres auxilia no descarte de variáveis, possibilitando uma escolha de variáveis que irão refletir mais significativamente nos ganhos de seleção diretos e indiretos. Desse modo, conforme citado por Cruz et al. (2004), conhecendo-se o grau de importância das variáveis analisadas, pode-se caracterizar uma coleção com boa precisão (aproximadamente 90%), porém com um menor número de descritores, reduzindo a mão-de-obra, tempo e custos empregados.

De modo a detalhar melhor a comportamento dessa variação, foi realizado o agrupamento de genótipos através de suas médias pelo método de Scott-Knott (1974) ao nível de 5% de probabilidade, onde o agrupamento dos acessos, para cada variável, utiliza a razão de verossimilhança para testar a significância de que os acessos podem ser divididos em grupos que maximizem a soma de quadrados entre grupos.

Para as variáveis agronômicas foi constatado a formação de 4 para AP e ESP, 3 grupos TE e PG/ESP, 2 para DC e P100G e um para MAT, o que reflete a ampla diversidade dentro de cada variável agronômica quando se considera o conjunto dessas variáveis para o agrupamento de genótipos.

Um ponto que deve ser ressaltado diz respeito a distribuição dos genótipos em um único grupo de MAT, mesmo a ANOVA apresentando alta significância enquanto que, para as variáveis ARI e CES houve a formação de 2 grupos pelo teste de Scott-Knott mesmo a ANOVA não detectando significância aos níveis testados.

O que deve ser enfatizado é que as análises não são complementares uma à outra, ou seja, pode ocorrer diferenças de respostas para um mesmo conjunto de genótipos e variáveis. Borges e Ferreira (2003) realizaram simulações para avaliar o poder e as taxas de erro tipo I de diferentes testes de médias. Constataram que o teste de Scott-Knott controlou as taxas de erro por experimento para todas as distribuições consideradas. No entanto concluíram que o teste foi poderoso (Taxas de erro tipo I quase sempre de acordo com os níveis nominais) e robusto em relação à violação de normalidade. Estes fatos refletem a alta confiabilidade do teste no que diz respeito ao agrupamento das médias em relação à ANOVA univariada.

Para as variáveis qualitativas o teste separou perfeitamente os grupos de classificação pré-estabelecidos para cada variável, indicando novamente o alto poder do teste de Scott-Knott e que este deve ser preferido durante os processos de seleção de genótipos tanto para variáveis qualitativas quanto quantitativas. Pode ser considerado que

devido aos diferentes agrupamentos nas variáveis qualitativas e quantitativas no presente estudo, fica explícita a ampla variabilidade dentro de variáveis e considerando o comportamento de um dado genótipo no conjunto dessas variáveis.

Através das análises de correlação simples (Tabela 4), é possível mensurar o grau de associação entre duas variáveis, de modo a direcionar a seleção de genótipos promissores para uma ou mais variáveis conjuntamente. Foi constatado valor positivo entre TE e PG/ESP e TE e DC, onde uma seleção para espigas maiores poderá afetar no mesmo sentido tanto peso de grãos por espigas quanto diâmetro de colmo. Para P100G foram verificadas correlações negativas tanto para MAT quanto ESP assim como ESP e PG/ESP, ou seja, a seleção de indivíduos mais precoces, tanto no florescimento quanto maturação, pode refletir em ganhos para peso de 100 grãos e produtividade. Para a variável HV foram encontradas correlações positivas e significativas com MAT e ESP. Desse modo a seleção para genótipos com porte mais ereto pode direcionar a obter genótipos com ciclo mais prolongado. A alta correlação positiva entre MAT e ESP já era esperado, o que confirma a boa precisão experimental na coleta dos dados.

Tabela 4 - Estimativas de correlações fenotípicas entre dezesseis variáveis de 225 genótipos do BAG-Trigo do IDR Paraná

	<b>ARI<sup>(1)</sup></b>	<b>CESP<sup>(1)</sup></b>	<b>FE<sup>(1)</sup></b>	<b>CE</b>	<b>MAT</b>	<b>HV<sup>(1)</sup></b>	<b>AP</b>	<b>ESP</b>
<b>ARI<sup>(1)</sup></b>	1							
<b>CESP<sup>(1)</sup></b>	-0,14*	1						
<b>FE<sup>(1)</sup></b>	0,06	-0,14*	1					
<b>CE</b>	0,07	0,001	-0,06	1				
<b>MAT</b>	0,12	-0,18**	0,06	0,08	1			
<b>HV<sup>(1)</sup></b>	0,08	0,10	0,07	0,08	0,30**	1		
<b>AP</b>	-0,23**	0,13*	-0,07	0,12	-0,002	-0,04	1	
<b>ESP</b>	0,21**	-0,25**	0,09	0,12	0,65**	0,43**	-0,14*	1
<b>FB<sup>(1)</sup></b>	-0,06	0,07	0,03	-0,11	-0,12	-0,18**	-0,02	-0,22**
<b>AUR<sup>(1)</sup></b>	-0,11	0,04	-0,11	0,09	-0,09	-0,08	0,09	-0,19**
<b>CERG<sup>(1)</sup></b>	-0,01	0,03	0,08	0,15*	0,21**	0,23**	0,04	0,25**
<b>TGR<sup>(1)</sup></b>	-0,13	0,09	0,04	-0,10	-0,17*	-0,08	0,09	-0,17*
<b>CGR<sup>(1)</sup></b>	-0,13	0,09	0,05	-0,09	-0,17*	-0,08	0,09	-0,16*
<b>DC</b>	-0,01	-0,05	0,13	0,39**	0,16*	0,19**	0,05	0,11
<b>PGEsp</b>	-0,01	0,03	0,09	0,35**	-0,08	-0,02	-0,06	-0,17*
<b>P100G</b>	-0,10	0,09	-0,02	0,05	-0,34**	-0,18**	-0,02	-0,46**

continuação...

	<b>FB<sup>(1)</sup></b>	<b>AUR<sup>(1)</sup></b>	<b>CERG<sup>(1)</sup></b>	<b>TGR<sup>(1)</sup></b>	<b>CGR<sup>(1)</sup></b>	<b>DC</b>	<b>PGEsp</b>	<b>P100G</b>
<b>FB<sup>(1)</sup></b>	1							
<b>AUR<sup>(1)</sup></b>	-0,08	1						
<b>CERG<sup>(1)</sup></b>	0,10	-0,17*	1					
<b>TGR<sup>(1)</sup></b>	0,02	0,10	-0,06	1				
<b>CGR<sup>(1)</sup></b>	0,01	0,10	-0,06	0,99**	1			
<b>DC</b>	-0,11	-0,01	0,26**	-0,06	-0,05	1		
<b>PGEsp</b>	0,15*	-0,06	0,18**	-0,27**	-0,26**	0,34**	1	
<b>P100G</b>	0,08	0,03	-0,08	-0,05	-0,05	0,08	0,64**	1

\*,\*\* significativo a 5 e 1% pelo teste t

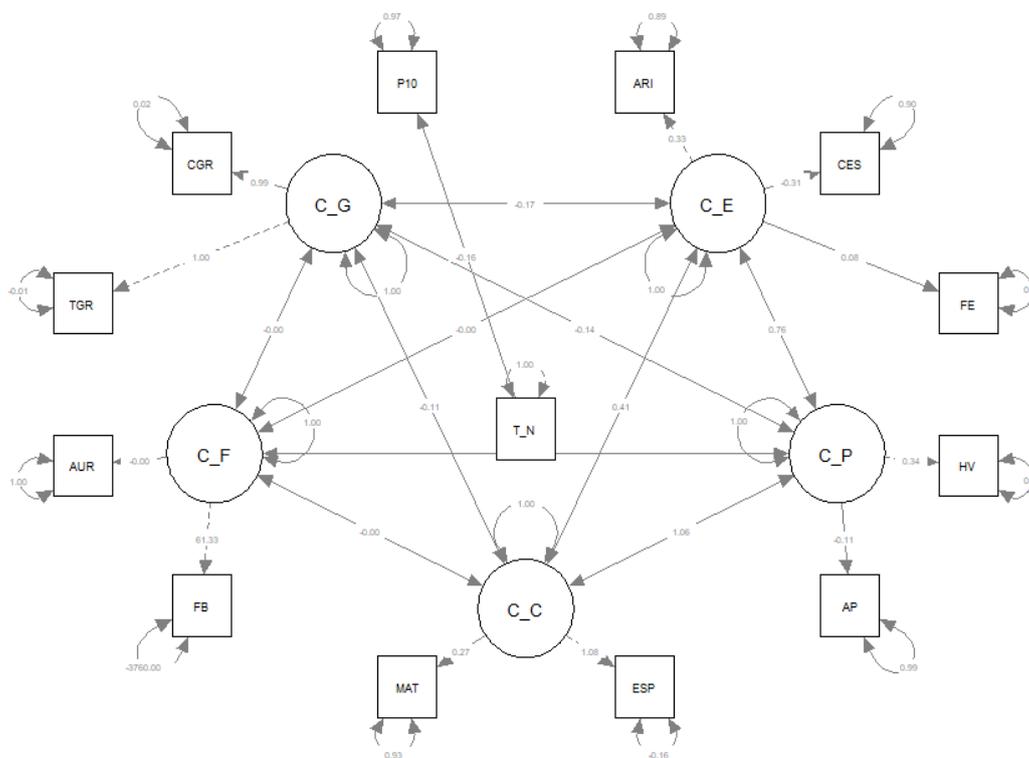
Variáveis analisadas: presença de arista (ARI); cor da espiga (CES); forma de espiga (FE); tamanho de espiga (TE); dias para maturação (MAT); habito vegetativo da planta (HV); altura da planta (AP); espigamento com valor expresso em dias (ESP); posição da folha bandeira (FB); coloração das aurículas (AUR); cerosidade dos grãos (CERG); coloração e textura do grão (CGR e TGR); diâmetro do colmo (DC) utilizando valores de 3 colmos por linhagem; peso de grãos por espiga (PGEsp); peso de 100 grãos (P100G).

<sup>(1)</sup>: Médias originais apresentadas, e análises realizadas com médias transformadas para  $\sqrt{x+0,5}$

No ajuste do modelo de equação estrutural construído, o valor de qui-quadrado reportado foi altamente significativo (P-value < 0,0001), entretanto, outros índices de qualidade de ajuste se mostraram bastante robustos, com um RMSEA de 0.042, CFI de 0.981, TLI de 0.974 e SRMR igual a 0.053.

Analisando o modelo de equação estrutural (Figura 2), observaram-se relações estatisticamente significativas entre todas as variáveis latentes criadas. Verificou-se uma alta correlação positiva entre a variável latente “C\_E” e as variáveis “C\_P” e “C\_C”, e entre “C\_P” e “C\_C”. Correlações negativas foram identificadas entre as demais interações. Tais correlações, todavia, são muito próximas a zero, tendo pouca significância numa avaliação geral dos parâmetros do modelo.

**Figura 2.** Modelo de equação estrutural correlacionando características morfológicas e agrônômicas a partir das variáveis observadas durante o crescimento das plantas de trigo de 225 genótipos avaliados.



## CONCLUSÃO

A seleção de genitores ou o avanço de gerações segregantes deve ser no sentido de obter indivíduos com espigas maiores, que sejam mais precoces e com hábito de crescimento intermediário à prostrado para ganhos de produção acentuados.

O conjunto de acessos avaliados ampla variabilidade genética para as diferentes variáveis agrônômicas.

Os 225 acessos caracterizados representam 49% dos acessos do BAG-Trigo que foram regenerados e multiplicados, podendo ser direcionados para cruzamentos focando pré-melhoramento e/ou melhoramento para obtenção de novas cultivares, a critério do melhorista.

REFERÊNCIAS

ALLARD, R. W. **Principles of plant Breeding**. 2nd ed. New York,: John Willey & Sons, 1999. 254 p.

BALFOURIER, F.; PROSPERI, J. M.; CHARMET, G.; GOULARD, M.; MONASTIEZ, P. Using spatial patterns of diversity to develop core collections. In: JOHNSON, R. C.; HODGKIN, T. **Core collections for today and tomorrow**. Roma: IPGRI, 1999.

BERTAN, I; CARVALHO, F.I.F; OLIVEIRA, A.C; VIEIRA, E.A; HARTWIG, I; SILVA, J.A.G; SHIMIDT, D.A.M; VALERIO, I.P; BUSATO, C.C; RIBEIRO, G. Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. **Revista Brasileira Agrociência**, Pelotas, v.12, n.3, p.279-286, 2006.

BOLLEN, K. A. **Structural equations with latent variables**. Chichester: John Wiley & Sons; 1989.

BONOW, S.; ALBUQUERQUE, A. C. S.; IORCZESKI, E. J.; SIGNORI, A.; SCARIOT, E. F. M.; MULLER, E. **Sistema de gerenciamento dos Bancos Ativos de Germoplasma da Embrapa Trigo**. Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2008. 7 p. html. (Embrapa Trigo. Comunicado Técnico Online, 233). Disponível em: <[http://www.cnpt.embrapa.br/biblio/co/p\\_co233.htm](http://www.cnpt.embrapa.br/biblio/co/p_co233.htm)>.

BONOW, S. **Coleções nucleares em bancos de germoplasma: conceito e utilização atual em trigo**. Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2007. 7 p. html. (Embrapa Trigo. Documentos Online, 80). Disponível em <[http://www.cnpt.embrapa.br/biblio/do/p\\_do80.htm](http://www.cnpt.embrapa.br/biblio/do/p_do80.htm)>

BORÉM, A., VIEIRA, M.L.C. **Glossário de Biotecnologia**. Ed Folha de Viçosa: Viçosa, 2005. BORNER, A.; FREYTAG, U.; SPERLING, U. Analysis of wheat resistance data originating from screenings of Gatersleben genebank accessions during 1933 and 1992. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 53, p. 453-465, 2006.

BORGES, L.C; FERREIRA, D.F. Poder e taxas de erro tipo I dos testes Scott-Knott, Tukey e Student-Newman-Keuls sob distribuições normal e não normais dos resíduos. **Revista de Matemática e Estatística**, São Paulo, v.21, n.1, p. 67-83, 2003.

BRASIL. **Decreto nº 2.366, de 5 de novembro de 1997**. Regulamenta a Lei nº 9.456, de 25 de abril de 1997, que institui a Proteção de Cultivares, dispõe sobre o Serviço Nacional de Proteção de Cultivares - SNPC, e dá outras providências.

BROWN, A. H. D.; SPILLANE, C. Implement core collections – principles, procedures, progress, problems and promise. In: JOHNSON, R. C.; HODGKIN, T. **Core collections for today and tomorrow**. Roma: IPGRI, 1999.

CORDEIRO, M. T. C.; ABADIE, T, Coleções nucleares In: NASS, L. L. **Recursos genéticos vegetais**. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2007. 858 p.

CRUZ, C.D. e CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético** (volume 2). Viçosa: UFV. 2003. 585p.

CRUZ, C.D.; **Programa Genes – Versão Windows (Aplicativo computacional em genética e estatística)**. Viçosa: UFV. 2001. 648p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético** (volume 1). 3ª Ed. Viçosa: UFV. 2004. 480p.

DUVICK, D. N. **Genetic enhancement and plant breeding**. In: JANICK, J.; SIMON J. E. (Ed.). *Advances in new crops*. Portland, OR: Timber Press, 1990. p. 90-96.

FAO **Food and agriculture organization of the United Nations**, The state of the world's plant genetics resources for food and agriculture. FAO, Rome, 1996.

FAO **Food and agriculture organization of the United Nations** Disponível em: <<http://faostat.fao.org/site/567/default.aspx#ancor>>. 2011.

FERREIRA, D. F. SISVAR: um programa para análises e ensino de estatística. **Revista Symposium**, Lavras, v. 6, p. 36-41, 2008

FERREIRA, M. E. Molecular analysis of gene bank for sustainable conservation and increased use of crop genetic resources. In: RUANE, J.; SONNINO, A. **The role of biotechnology in exploring and protecting agricultural genetic resources**. Roma: FAO, 2006. p. 121-127.

FRANKEL, O. H. Genetic perspectives of germoplasm conservation. In: ARBER, W. K.; LIMENSEE, K.; PEACOCK, W. J.; STARLINGER, P. (Ed.). **Genetic manipulation: impact on man and society**. Cambridge: Cambridge University Press, 1984. p. 1161-1170.

FRANKAEL, O.H. **Principles and strategies of evaluating**. In: BROWN, A.H.D; FRANKAEL, O.H.; MARSHALL, D.R.; WILLIAMS, J.T. [Eds.] *The use of plant genetic resources*. London: Cambridge University Press, 1989, p. 245-260.

GOODMAN, M.M. Genetic and germplasm stocks worth conserving. **Journal of Heredity**, v.81,p.11-16, 1990.

GOEDERT, C.O. Histórico e avanços em recursos genéticos no Brasil. In: NASS, L.L. (Ed.). *Recursos genéticos vegetais*. Brasília: Embrapa, 2007. p. 23-60.

HINTUM, T. J. L.; BROWN, A. H. D.; SPILLANE, C.; HODGKIN, T. **Core collections of plant genetic resources**. Roma: International Plant Genetic Resources Institute, 2000. (IPGRI. Technical Bulletin, 3). 43 p.

HU, J.; ZHU, J.; XU, M. H. Methods of constructing core collections by stepwise clustering with three sampling strategies based on the genotypic value of crops. **Theoretical and Applied Genetics**, n. 101, p. 264-268, 2000.

IBPGR International Board for Plant Genetic Resources. **Wheat descriptors** (Revised), Rome, 1995, 12p.

KIMBER, G.; SEARS, E.R. Evolution in the genus *Triticum* and the origin of cultivated wheat. In: HEYNE, E. G. (Ed.), **Wheat and Wheat Improvement**, Volume 1, p. 154–164. American Society of Agronomy, 1987.

KRONSTAD, W.E. Germoplasm: The Key to past and future wheat improvement. In: **Genetic Improvement in yield of wheat**, Madison: Crop Science Society of America, 1986, 114p.

LOPES, M.A. **O Sistema Brasileiro de Pesquisa em Recursos Genéticos**. In: LOPES, M.A.; FÁVERO, A.P.; FERREIRA, MAJF; FALEIRO, F.G [Org.] **Curso Internacional de Pré-Melhoramento de Plantas**. Brasília: Embrapa (Documentos...), p. 31-37, 2006.

MORAES FERNANDES, M. I. B. D., ZANATTA, A. C. A., PRESTES, A. M., CAETANO, V. R., BARCELLOS, A. L., ANGRA, D. C. E PANDOLFI, V. Cytogenetics and immature embryo culture at Embrapa Trigo breeding program: transfer of disease resistance from related species by artificial resynthesis of hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L. em. Thell). **Genetics and Molecular Biology**, v. 23, p. 1051-1062, 2000.

NASS, L.L.; PATERNIANI, E. Pre-breeding: a link between genetic resources and maize breeding. **Scientia Agricola**, v.57, n.3, p. 581-587, 2000.

ORTIZ, R.; BRAUN, H.; CROSSA, J. et al. Wheat genetic resources enhancement by the International Maize and Wheat Improvement Center (CIMMYT). **Genetic Resources and Crop Evolution**, v.55, p. 1095-1140, 2008.

**R DEVELOPMENT CORE TEAM**. R: A language and environment for statistical computing, reference index version 2.2.1. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, 2005.

**R DEVELOPMENT CORE TEAM**. R: A language and environment for statistical computing, reference index version 4.1.0. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, 2021.

RAMALHO, M.A.P; FERREIRA, D.F; OLIVEIRA, A.C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. Lavras, 2005, 322p.

REIF, J.C.; ZHANG, P.; DREISIGACKER, S et al. Wheat genetic diversity trends during domestication and breeding. **Theoretical and Applied Genetics**, v.110, p.859-864, 2005.

**STATSOFT, INC.** STATISTICA (data analysis software system), version 6, Tulsa, 2001.

SCHOEN, D. J.; BROWN, A. D. H. Conservation of allelic richness in wild crop relatives is aided by assessment of genetic markers. **Proceedings of the National Academic of Science USA**, v. 90, p. 10623-10627, 1993.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**, v.41, p.237-245. 1981.

SINGH, S. P. Broadening the genetic base of common bean cultivars: Review. **Crop Science**, Madison, v. 41, n. 6, p. 1659-1675, 2001.

SCOTT, A.J.; KNOTT, M.A. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, v. 30, n. 2, p. 507-512, 1974.

VALOIS, A.C.C.; SALOMÃO, A N.; ALLEM, A.C. **Glossário de recursos genéticos vegetais**. Brasília: SPI, 1996, 62p.

VASCONCELOS, E. S.; CRUZ, C. D.; BHERING, L. L., FERREIRA, A. Estratégias de amostragem e estabelecimento de coleções nucleares. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, n. 4, p. 507-514, abr. 2007.

WANG, H. Y.; WEI, Y. M.; YAN; Z. H.; ZHENG, Y. L. EST-SST DNA polymorphisms in durum wheat (*Triticum durum* L.) collections. **Journal of Applied Genetics**, n. 4, v. 1, p. 35-42, 2007.